

# La Selección Genómica ha Cambiado la Manera de Seleccionar los Toros en la Ganadería Lechera

J.C. Dalton<sup>‡</sup>, D.A. Moore<sup>§</sup>, y M. Chahine<sup>‡</sup>

<sup>‡</sup>Universidad de Idaho y <sup>§</sup>Universidad Estatal de Washington

## Introducción

En años recientes, han ocurridos cambios dramáticos en las prácticas de selección de toros en la ganadería lechera. Estos cambios han sido facilitados por la secuenciación del genoma bovino, que llevó al descubrimiento de miles de marcadores de ADN, conocidos como polimorfismos de un solo nucleótido o SNPs por sus siglas en inglés. El desarrollo de los valores estimados de cría basado en los datos de marcadores por si solos (Meuwissen et al., 2001), además de la reducción en el costo del genotipado, ha permitido a los centros de IA realizar una selección genómica de toros para ganadería lechera mucho más precisa. Como lo describe Hayes et al. (2009), la selección genómica hace referencia a las decisiones de selección basadas en los valores de cruzamiento genómico (GEBV). Antes de continuar con la discusión de la selección genómica, es importante entender la prueba de progenie tradicional. Históricamente, la prueba de progenie era la clave para el mejoramiento genético en ganado lechero (Sattler, 2013), identificando los mejores toros tanto para su uso extensivo como para padres de los toros de la siguiente generación.

## Prueba de Progenie

Tal como lo describe Sattler (2013), la prueba de progenie tiene tres propósitos: 1) proveer información para las decisiones en cuanto a la selección de toros para IA, 2) proveer una masa crítica de datos necesarios para realizar evaluaciones genéticas efectivas y 3) desarrollar toros de IA con evaluaciones precisas para su uso a gran escala en IA. Deben identificarse las vacas elite, servir las con los mejores toros, se deben incluir a los hijos en un programa de pruebas de progenie para identificar, basándose en los registros de rendimiento de las hijas, qué toros heredaron los genes deseables. Los datos de la prueba de progenie serán la base para que el toro se gradúe de toro joven a toro probado, y que su semen esté disponible para el uso extensivo por parte de los productores. Más aun, los toros probados (toros con progenie) han sido usados desde hace mucho como padres de toros de la siguiente generación. Aunque la prueba de progenie ha sido una estrategia de manejo exitosa de los centros de IA, toma más de 3 años, es bastante costosa y limita el número de toros evaluados (Sattler, 2013).

## Selección Genómica

Actualmente, la selección de toros para su uso en IA en ganadería de leche ha cambiado de la prueba de progenie a las predicciones genómicas de salud, producción de leche y fertilidad de las hijas. Con la selección genómica, el toro y la madre del futuro toro (siguiente generación)

son seleccionados en base a un perfil de marcadores de ADN, sirviéndose ésta poco después de la pubertad, siendo analizados los marcadores para características deseables (y no deseables) de la siguiente generación de toros, poco después del nacimiento o como embrión producido *in vitro* (Dalton et al., 2017). De acuerdo con Sattler (2013) esto permite a las compañías de IA “probar decenas de miles” de toros en vez de unos pocos miles de toros a través del programa de pruebas de progenie tradicional. Además, en vez de esperar los resultados de la prueba de progenie, hoy muchos toros son utilizados como padrotes y son vendidos ampliamente basados en las evaluaciones genómicas (Sattler, 2013). El uso de los marcadores genómicos ha reducido el intervalo generacional, definido como el promedio de edad de los padres cuando nacen sus descendientes. Tanto hembras como machos contribuyen con la reducción del intervalo generacional. A las novillas genómicamente elites de 6 a 8 meses de edad rutinariamente se les realiza aspiración folicular vía transvaginal guiada por ultrasonografía (comúnmente conocida como “*ovum pick-up*” u OPU), seguido por la fecundación *in vitro* (FIV) y la transferencia embrionaria (TE). De acuerdo con García-Ruiz *et al.* (2016) el intervalo generacional de los padres de toros ha disminuido de aproximadamente 7 a 2.5 años, mientras que el de las madres de toro ha disminuido de 4 a 2.5 años. Más aun, la selección genómica ha incrementado la tasa de mejoramiento de características biológicas económicamente importantes como la tasa de preñez de las hijas (DPR), la vida productiva (PL) y el índice de células somáticas (SCS) (García- Ruiz et al., 2016). Consecuentemente, Amann y DeJarnette (2012) argumentan que los productores obtendrían mayor valor de cada preñez producida por espermatozoides de un toro joven seleccionado por marcadores que de un toro maduro probado por progenie.

Son muchos los obstáculos que la selección genómica trae a los centros de IA. Los becerros recién nacidos con predicciones genómicas deseables, tienen un costo de adquisición mucho más alto que un becerro con solo un buen pedigrí (Amann and DeJarnette, 2012). Muchos toros serán reemplazados por mejores toros antes que sus hijas completen su primera lactación; sin embargo, los toros jóvenes producen 35 a 50% de los espermatozoides de un toro maduro (>5 años de edad). Como consecuencia, los centros de IA van a requerir instalaciones adicionales (alojamiento, aislamiento, cuarentena, colección de semen) para coleccionar semen a cerca de dos veces el número de toros para producir el mismo número de pajuelas comerciales (Dalton et al., 2017).

El reto actual para la industria lechera es mantener la infraestructura de recolección de datos para apoyar las evaluaciones genómicas (Sattler, 2013). Un malentendido común es que la genómica reemplazará a las pruebas DHIA de las granjas lecheras. Eso no es cierto, ya que la genómica está basada en la relación entre el fenotipo y el genotipo. La genómica requiere de una colección de datos precisa para establecer la población de referencia y así calibrar los resultados genómicos y también para actualizar continuamente la población de referencia (National DHIA, 2011). El flujo de datos al sistema (incluyendo la producción de leche, clasificación por tipo y rasgos de salud) es crítico ya que el tamaño de la población de referencia afecta la precisión de las predicciones genómicas. El Consejo de Ganadería Lechera (CDCB) actualmente está llevando a cabo evaluaciones genéticas, que fueron realizadas previamente por el USDA. En el caso que los programas de pruebas de progenie fueran descontinuados, el

CDCB será capaz de garantizar que los datos van a continuar adquiriéndose para su uso en las evaluaciones genómicas (Sattler, 2013).

### **¿Continuarán las pruebas de progenie?**

De acuerdo a Sattler (2013) las evaluaciones genómicas proveen una información genética más precisa en los toros jóvenes que la que estaba disponible previamente. Las evaluaciones genómicas han reemplazado de hecho a las pruebas de progenie en cuanto a la información para las decisiones claves en la selección de toros. Consecuentemente, las compañías de IA han reducido los esfuerzos en la realización de las pruebas de progenie en aproximadamente un 20%.

A pesar de que el porcentaje de semen vendido de toros sin datos de progenes se ha incrementado de aproximadamente 10% en 2008 a más de 60% en 2018, los toros probados por progenie mantienen su demanda ya que ellos continúan compitiendo favorablemente con los jóvenes toros genómicos. Esto parece ser el resultado de la masa crítica de datos generados vía prueba de progenie, lo que facilita la evaluación precisa necesaria para continuar generalizando su uso.

Las evaluaciones genómicas continúan siendo un trabajo en progreso, un incremento en la precisión de las evaluaciones genómicas probablemente ocurrirá en el futuro (Sattler, 2013). En conjunto con el incremento en las tasas de mejoramiento genético, la competitividad de los toros genómicos jóvenes posiblemente mejorará. En el futuro previsible, las pruebas de progenie prometen continuar proveyendo suficientes toros probados por progenie para satisfacer la demanda del mercado (Sattler, 2013).

### **Agradecimiento**

El desarrollo de este documento fue posible gracias al proyecto USDA NIFA AFRI No. 2013-68004-20365.

### **Referencias**

Amann, R.P., and J.M. DeJarnette. 2012. Impact of genomic selection of AI dairy sires on their likely utilization and methods to estimate fertility: A paradigm shift. *Theriogenology*. 77:795–817.

Dalton, J.C., J.M. DeJarnette, R.G. Saacke, and R.P. Amann. 2017. The male component of dairy herd fertility. In: *Large Dairy Herd Management*, third edition, D.K. Beede (Ed.), American Dairy Science Association, Champaign, IL, pp. 565-578.

Elsik, C.G., R.L. Tellam, and K.C. Worley. 2009. The genome sequence of taurine cattle: A window to ruminant biology and evolution. *Science*. 324:5926:522-528.

García-Ruiz, A., J.B. Cole, P.M. VanRaden, G.R. Wiggans, F.J. Ruiz-López, C.P. Van Tassell. 2016. Changes in Holstein cattle from genomic selection. *Proc. Nat'l Acad. Sci.* 113 (28) E3995-E4004.

Hayes, B.J., P.J. Bowman, A.J. Chamberlain, and M.E. Goddard. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 92:433–443.

Meuwissen, T.H.E., B.J. Hayes, and M.E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*. 157:1819–1829.

National DHIA. 2011. Got dairy data? The value and use of data. Available on-line at: [http://www.dhia.org/dbc\\_articles.asp](http://www.dhia.org/dbc_articles.asp)

Sattler, C.G. 2013. Progeny testing and genomics: Where are we and where are we going? In: *Proc. Dairy Cattle Reprod. Coun. Ann. Meeting, Indianapolis, IN*, pp. 98-103.